SCIENCE & ORIGINES

Numéro 16 2e semestre 2008

Les humains et les chimpanzés sont-ils identiques à 99,4% ?*

De nombreuses statistiques indiquent avec une apparente précision la ressemblance entre le génome de l'homme et celui du chimpanzé. Bien qu'un examen rapide des chimpanzés et des humains amène raisonnablement à prévoir que leur ADN devrait avoir une certaine ressemblance, d'ailleurs plus marquée entre eux qu'avec celui d'autres organismes, ces ressemblances sont fréquemment exagérées et manquent de précision. Cela est en partie dû aux techniques utilisées pour comparer les séquences. La manière d'arranger les données avant l'analyse et dans le processus analytique intervient aussi. En dernière instance, les ressemblances de l'ADN sont assimilées à des ressemblances morphologiques et leur interprétation dépend en grande partie du point de vue philosophique adopté.

Il y a quelque de temps les autobus de mon quartier arboraient une nouvelle affiche en couleurs qui proclamait que les humains et les chimpanzés sont identiques à 98%[1] et ajoutait : « Venez faire la connaissance de vos parents. » Je ne suis pas sûr de l'efficacité de ces publicités pour attirer des visiteurs à la nouvelle exhibition de singes, mais elles ont impressionné ma fille de 5e. Quand des statistiques comme celles-ci, paraissant si précises, se glissent dans des campagnes publicitaires, elles peuvent se graver dans l'esprit des enfants et des adultes. Mais d'où viennent ces chiffres ? Et que signifient-ils en réalité ?

Beaucoup de chiffres et peu de précision

Un examen même superficiel des pourcentages de ressemblance entre les génomes du chimpanzé et de l'homme montre vite que toute perception de précision est illusoire. Le chiffre de 98%[2] apparaît communément ainsi que d'autres. Par exemple, le chiffre publié de 99,8% semble plus précis et augmente la proximité entre les humains et le chimpanzé.[3] Une autre étude a suggéré le chiffre de 98,77%,[4] mais d'autres comparaisons ont réduit l'estimation à 95%.[5]

Quand a été publié en 2005, le génome plus ou moins complet du chimpanzé,[6] la conclusion a été que les génomes de l'homme et du chimpanzé étaient ressemblants à 96%. Malgré le fait que cette estimation soit significativement plus faible que la majorité des précédentes, ce nouveau chiffre a poussé Frans de Waal, expert des primates à l'université Emory, à proclamer : « Darwin ne fut pas simplement provocateur en disant que nous descendons des singes—il n'a pas été assez loin… Nous sommes des singes de bien des manières, depuis nos longs bras et notre corps sans queue jusqu'à nos habitudes et notre tempérament. »[7]

Pourtant, Darwin a été assez loin, et sans l'aide de la technologie moderne du séquençage de l'ADN. Il est faux de dire et de redire que Darwin n'a jamais affirmé que les humains descendaient des singes.[8] Dans *La filiation de l'homme*, Darwin consacre tout le chapitre 6 intitulé « Sur les affinités et la généalogie de l'homme » au développement de l'argument que les humains sont des singes et donc que, comme les autres singes, ils descendent d'un ancêtre commun à tous les singes, qui était lui-même un singe.[9] Un des grands partisans de Darwin, Thomas Henry Huxley, fit en sorte que cet argument ne

paraisse en 1863,[10] seulement quatre ans après la publication de *L'origine des espèces* de Darwin et bien avant que celui-ci ne publie *La filiation de l'homme*.

« Homologie », darwinisme et création

Dans la pensée darwinienne, les similitudes entre organismes, souvent appelées homologies, sont considérées comme indiquant des ancêtres communs. Ainsi, on pense que deux organismes qui possèdent plus de choses en commun qu'avec un autre organisme ont un ancêtre commun plus récent que celui qu'ils ont avec ce dernier. Par exemple, les grenouilles comme les vaches ont des yeux de type caméra, quatre pattes et beaucoup d'autres caractéristiques communes, mais les lombrics n'ont pas ces caractéristiques, si bien que, selon la pensée darwinienne, les grenouilles et les vaches ont un ancêtre commun plus récent que celui qu'ils ont avec les lombrics. Concernant le séquençage de l'ADN, la même logique est appliquée : quand on voit que les chimpanzés et les humains ont plus d'ADN en commun qu'avec les autres organismes, cela est considéré comme une solide confirmation des idées de Darwin. Mais l'ADN a l'avantage d'être justement le matériel génétique qui se transmet des parents aux descendants.

Dans une perspective créationniste, la ressemblance de l'ADN des humains et des chimpanzés n'est pas surprenante. Parmi tous les animaux, ce sont clairement les chimpanzés et les gorilles qui ressemblent le plus aux humains. Il serait alarmant de découvrir que le Créateur est retourné à sa planche à dessin pour créer un code complètement différent pour les chimpanzés. Ce serait aussi illogique que de dire que deux modèles ressemblants d'une marque de voiture ont été conçus selon des plans complètement différents. Les singes ressemblent plus aux humains que les vaches parce que, entre autres choses, leur ADN est plus proche de celui des humains. Cela veut dire que, bien que les similitudes des séquences d'ADN paraissent correspondre exactement à ce que les créationnistes et les évolutionnistes attendaient, certains darwinistes agissent comme si d'une certaine manière cela confirmait la pensée darwinienne et réfutait le créationnisme.

Expliquer les différences

Une question encore plus intéressante, que la création explique assez bien et que le darwinisme affirme pouvoir expliquer, est la façon dont sont apparues ces différences de génome entre les chimpanzés et les humains. L'explication requiert la connaissance des divers types de différences qui peuvent exister entre les deux génomes. Bien que les analogies de langage ne soient pas parfaites, il y a suffisamment de similitudes dans la façon dont l'ADN et les lettres en français codent l'information pour illustrer les similitudes de deux séquences d'ADN.

L'ADN est formé de « lettres » moléculaires nommées bases. Il n'y a que quatre lettres (initiales des bases) dans la langue de l'ADN : A (adénine), T (thymine), G (guanine) et C (cytosine).

Imaginons deux séquences d'ADN : (1) GAATGC et (2) TAATGA. Il y a six lettres dans chaque séquence. Ces séquences ne diffèrent que de deux bases et sont donc identiques aux 2/3 ou à 67%. Prenons l'exemple des mots français « ton » et « mon ». Ils sont aussi identiques à 67 % si on considère les lettres, mais leur signification est complètement différente. Revenant à l'exemple de l'ADN, si ces deux séquences faisaient partie d'un gène codant une protéine, leur sens serait différent.

Pour coder une protéine, l'ADN utilise des mots appelés codons formés de trois bases. Chaque codon code un acide aminé et les protéines sont simplement des séquences spécifiques d'acides aminés liées entre elles. Dans ce cas particulier, les lettres GAA de la première séquence correspondent à l'acide glutamique et les lettres TGC[11] à la cystéine. Les codons de la seconde séquence, TAA et TGA, bien que ne différant que d'une base par rapport aux codons de la première séquence, ont une signification complètement différente. En fait, aucun ne code un acide aminé. Ces codons sont appelés codons stop car ils agissent comme un point à la fin d'une phrase dans le langage de l'ADN, autrement dit, ils marquent la fin du codage d'une protéine par l'ADN.

Petits changements et grandes différences

La leçon à tirer est que des changements relativement faibles dans l'ADN peuvent entraîner une grande différence. Parfois dans un mot en français, le déplacement d'une seule lettre peut faire une grande différence. Par exemple, si on déplace la lettre c dans le mot « création » on peut avoir un mot complètement différent comme « réaction ». Dans l'ADN, les codons GGU et UGG codent respectivement la glycine, l'acide aminé le plus simple, et le triptophane, un acide aminé complexe.

Voici un exemple de deux séquences d'ADN que diffèrent de moins de 1%, mais qui pro-

duisent des résultats très différents :

SÉQUENCE 1 : BÊTA-GLOBULINE HUMAINE A (HBA)

ATGGTGCATC TGACTCCTGA
GGAGAAGTCT GCCGTTACTG
CCCTGTGGGG CAAGGTGAAC
GTGGATGAAG TTGGTGGTGA
GGCCCTGGGC AGGCTGCTGG
TGGTCTACCC TTGGACCCAG
AGGTTCTTTG AGTCCTTTGG
GGATCTGTCC ACTCCTGATG
CTGTTATGGG CAACCCTAAG
GTGAAGGCTC ATGGCAAGAA
AGTGCTCGGT GCCTTTAGTG
ATGGCCTGGC TCACCTGGAC
AACCTCAAGG GCACCTTTGC
CACACTGAGT GAGCTGCACT
GTGACAAGCT GCACGTGGAT
CCTGAGAACT TCAGGCTCCT
GGGCAACGTG CTGGTCTGTG
TGCTGGCCCA TCACTTTGGC
AAAGAATTCA CCCCACCAGT
GCAGGCTGCC TATCAGAAAG
TGGTGGCTGG TGTGGCTAAT
GCCCTGGCCCACAAGTATCACTAA

SEQUENCE 2 : BETA-GLOBULINE HUMAINE S (HBS)

ATGGTGCATC TGACTCCTGT
GGAGAAGTCT GCCGTTACTG
CCCTGTGGGG CAAGGTGAAC
GTGGATGAAG TTGGTGGTGA
GGCCCTGGGC AGGCTGCTGG
TGGTCTACCC TTGGACCCAG
AGGTTCTTTG AGTCCTTTGG
GGATCTGTCC ACTCCTGATG
CTGTTATGGG CAACCCTAAG
GTGAAGGCTC ATGGCAAGAA
AGTGCTCGGT GCCTTTAGTG
ATGGCCTGGC TCACCTGGAC
AACCTCAAGG GCACCTTTGC
CACACTGAGT GAGCTGCACT
GTGACAAGCT GCACGTGGAT
CCTGAGAACT TCAGGCTCCT
GGGCAACGTG CTGGTCTGTG
TGCTGGCCCA TCACTTTGGC
AAAGAATTCA CCCCACCAGT
GCAGGCTGCC TATCAGAAAG
TGGTGGCTGG TGTGGCTAAT
GCCCTGGCCCACAAGTATCACTAA

Il y a 444 bases dans chacune de ces séquences, qui ne diffèrent que d'une base, la vingtième (en caractère gras).[12] La différence entre ces séquences est de 0,225% ; elles sont à identiques 99,775% et cependant la première séquence code une des protéines normales de l'hémoglobine tandis que la seconde code une protéine anormale qui donne l'anémie falciforme, une maladie génétique dévastatrice.[13] Cette différence de séquence d'ADN de 0,225% se traduit par une différence de séquence protéique de 0,676% et cette différence minime entraîne une sérieuse maladie. Tous les changements de cette taille n'ont pas un tel impact, mais cet exemple montre que des petites différences de séquences dans l'ADN peuvent produire des différences très importantes dans les organismes.

Quantifier les ressemblances et les différences

Comment détermine-t-on si deux séquences sont identiques ou totalement différentes ? Evidemment, considérer simplement chaque lettre ne suffit pas pour déterminer si deux documents sont similaires ou différents. Les mêmes lettres sont utilisées pour coder l'information dans la version Segond de la Bible et dans l'*Origine des espèces*. Dans l'ADN, les mêmes bases sont utilisées pour coder l'information des humains et de la bactérie *E. coli* qui vit dans notre intestin. En comparant des livres, il se peut que beaucoup et même tous les mots utilisés soient les mêmes bien que les livres soient bien différents. En comparant des organismes, les codons utilisés pour coder les protéines peuvent être les mêmes, mais les organismes sont différents. Il faut donc tenir compte en comparant les séquences de l'ADN de l'étendue des séquences comparées.

Il faut prendre en considération un autre facteur important lorsqu'on compare les séquences d'ADN, qui est la façon dont l'information, qui code la manière de s'exprimer de l'ADN sous forme de protéine, très différente de celle de notre langage. Bien que l'on pense communément que l'ADN code principalement des protéines, en réalité seul environ 3% de l'ADN humain code des protéines. Dans le passé on pensait que les 97% restants n'étaient que des déchets du processus de l'évolution et constituaient essentiellement « l'ADN poubelle ». Avec le temps, il est devenu évident qu'une partie considérable de cet ADN régule la production des protéines des régions qui les codent tandis que d'autres parties participent à d'autres activités vitales.[14]

Dans les génomes de l'homme et du chimpanzé une grande partie de cet ADN non codant se trouve sous forme de séquences répétées. Il est difficile de mesurer l'importance de ces séquences répétées, ou même de les évaluer, car elles présentent des défis extraordinaires pour les techniques modernes de séquençage de l'ADN. C'est pourquoi, bien que nous parlions de la séquence du génome humain comme quelque chose de complet, elle n'est en fait pas réellement 100 % complète. Comme on a supposé que les séquences répétées étaient sans importance, elles ont été ignorées dans certaines comparaisons de séquences. Par exemple, dans les études sur lesquelles se fonde le chiffre de 98% de ressemblance de l'ADN de l'homme et du chimpanzé, l'ADN répété a été écarté avant de réaliser la comparaison.[15] C'est un peu comme si on comparait des mots utilisés dans deux livres après avoir enlevé les mots les plus communs d'une langue, ce qui pourrait nettement altérer le résultat de n'importe quelle comparaison statistique.

Un autre facteur complique l'observation des comparaisons entre les génomes de divers organismes : les différences parais-

sent concentrées dans des zones spécifiques et non réparties de manière aléatoire. Par exemple, les génomes de l'homme et du chimpanzé présentent une telle variation du nombre de différences existant entre segments analogues que l'on a suggéré que dans le passé les deux organismes avaient évolué jusqu'à devenir des espèces séparées pendant plusieurs millions d'années avant de se retrouver il y a environ 6,3 millions d'années,[16] pour se séparer de nouveau.[17] Cette variation du nombre de différences évidentes dans les séquences analogues ne se trouvent pas seulement au niveau de l'ADN, mais aussi dans des gènes spécifiques qui codent des protéines spécifiques. Par exemple, un certain nombre de gènes, dont on sait qu'ils jouent un rôle dans le développement du système nerveux, présentent—ce n'est pas surprenant—des différences plus importantes que les différences moyennes entre gènes de l'homme et du chimpanzé. Les darwinistes attribuent cela à la « sélection positive » de ces gènes,[18] mais il n'est pas évident de déterminer la raison pour laquelle cette sélection aurait opéré sur les gènes liés à l'intelligence des ancêtres de l'homme et pas de ceux du chimpanzé. Il est difficile d'imaginer que l'intelligence ne concerne que les humains et leurs ancêtres. Mais ces variations de degré de différences entre les divers segments d'ADN ne se restreignent pas aux gènes ou à des parties de chromosomes. Il y a des différences remarquablement faibles entre le chromosome X du chimpanzé et celui de l'homme par rapport à celles qui existent entre les autres chromosomes. Il n'est pas évident que la sélection naturelle ait pu faire cela et il semble qu'il a fallu forcé d'une certaine manière le compte-rendu pour faire cadrer les données avec les présupposés darwiniens.

Différents résultats à partir de programmes similaires

Il y a une autre différence profonde entre les manières de fonctionner des génomes de l'homme et du chimpanzé, qui pourrait empêcher encore plus ces génomes de produire des organismes identiques. Pour comprendre cela il faut voir le rôle joué par les protéines chez les êtres vivants d'une manière légèrement différente. L'ADN code les protéines pratiquement comme une liste de spécifications indiquant quel type de vis ou d'autres pièces s'utilisent dans une machine. On peut combiner beaucoup de pièces de formes diverses pour fabriquer divers types de machines. Par exemple, si on perd une vis qui maintient unis des ciseaux il serait possible de la remplacer par une vis à tête creuse. A l'inverse, on pourrait prendre les mêmes pièces, ou des pièces similaires à celles trouvées dans une machine et les combiner pour produire un mécanisme très différent. On pourrait par exemple combiner un ressort de suspension, quelques vis et câbles et quelques autres pièces de voiture pour fabriquer une excellente arbalète.

Qu'est-ce que tout cela a à voir avec les génomes de l'homme et du chimpanzé ? Bien qu'il soit tentant de penser que les différences entre les humains et les chimpanzés sont le résultat des différences entre leurs protéines respectives, les différences sont en réalité probablement le résultat de la manière dont les composants des protéines s'assemblent plutôt que des différences entre les protéines elles-mêmes. Cela semble être exactement ce que l'on voit quand se produisent des protéines à partir de l'information se trouvant dans les génomes de l'homme et du chimpanzé. Il s'avère que les gènes s'expriment de manières très différentes chez les primates comprenant les humains et les chimpanzés. Ces différences dans l'expression du gène semblent être le résultat des différences d'un sous-groupe de protéines appelées « facteurs de transcription ».[19] Il ne devrait pas être surprenant de découvrir que les darwinistes attribuent aussi ces différences à la « sélection positive ».

Ce n'est pas simplement que les protéines se combinent de diverses façons pour former différentes types de créatures ; en ce qui concerne les chimpanzés et les humains, les génomes s'assemblent de différentes manières. Par exemple, pendant la reproduction sexuelle, l'ADN des deux parents est mélangé comme quand on bat les cartes pour créer des chromosomes uniques dans les spermatozoïdes et les ovules et finalement dans la descendance d'un couple. Quand cela se produit, l'ADN doit physiquement se rompre et ensuite se reformer. Ce processus est complexe et ne se produit pas à n'importe quel endroit. Les lieux où se produisent ces coupures et ces nouvelles combinaisons (recombinaisons) sont différents dans les chromosomes de chimpanzé et d'humain.[21]

Résumé et mise en garde

Les humains et les chimpanzés sont-ils donc identiques ? La réponse à laquelle on aboutit dépend en grande partie des présupposés philosophiques que l'on incorpore aux données. Dans ce travail j'ai essayé de montrer que les chiffres donnés sur les pourcentages de différence entre les humains et le chimpanzé manquent de précision dans leur utilisation. De même, l'endroit où

s'observent les génomes respectifs marquera une grande différence dans les conclusions à tirer. En fin de compte, la façon dont se traduit l'information de l'ADN codé en protéines et finalement en créatures vivantes diffère profondément chez les humains et les singes. Si on le voulait, on pourrait souligner avec force les nombreuses différences entre l'ADN de l'homme et celui du chimpanzé. De même, il vaut la peine de faire ressortir qu'à mesure que des informations nouvelles sont publiées comparant les génomes, les différences semblent plus profondes qu'on le pensait il y a quelques années. Mais il serait ridicule de suggérer que les chimpanzés ne sont pas plus ressemblants aux humains que les grenouilles, les poissons, les mouches ou les oiseaux. Dans n'importe quel groupe d'objets ou de créatures certains ressemblent plus à d'autres. La grande question est toujours : quelle conclusion peut-o tirer de ces ressemblances et de ces différences ?

Voici encore une mise en garde pour ceux qui désirent tirer des conclusions générales concernant la manière préoccupante dont les partisans du darwinisme comme du créationnisme ont utilisé les données dans le passé pour défendre leurs positions. Dans notre propre église, il y a eu un certain nombre de déclarations publiées qui à l'époque ne furent pas vraiment d'une grand secours et qui aujourd'hui paraissent inquiétantes. Par exemple, Uriah Smith soutint en première page de la *Review and Herald* que « les naturalistes affirment que la ligne de démarcation entre les humains et les animaux s'est perdue dans la confusion. C'est impossible, puisqu'ils affirment qu'ils disent exactement où se termine l'être humain et où commence l'animal. »[21] Cette ligne de pensée peut aussi se trouver dans des déclarations postérieures comme celles de Dores Robinson, secrétaire d'Ellen White, qui écrivit : « Toute personne qui observe le chimpanzé, le gorille ou l'orang-outan n'aura pas de difficulté à croire qu'ils ont un ancêtre commun avec la race humaine… Il est beaucoup plus raisonnable de croire que les singes sont descendus de l'homme… »[22] D'autre part, au moins un darwiniste, en se fondant sur sa compréhension de la ressemblance à 98 % des génomes de l'homme et du chimpanzé, a défendu la perspective terrifiante de créer des chimères homme-singe, « puisque dans ces jours sombres d'antiévolutionnisme ignorant, où des fondamentalistes religieux à la Maison Blanche contrôlent le Congrès et tentent de dénaturer l'enseignement de la science dans nos institutions d'éducation, une forte dose de réalité biologique serait réellement salutaire. Et c'est précisément le message que pourraient transmettre les clones de chimères, d'hybrides ou d'espèces mixtes. »[23]

La Bible est explicite concernant la place de l'être humain dans la création : « Dieu créa l'homme à son image : il le créa à l'image de Dieu, homme et femme il les créa. »[24] De par sa nature même et du fait que « aujourd'hui nous voyons au moyen d'un miroir, de manière confuse »[25], la science ne peut apporter des réponses définitives concernant la nature de l'humanité ; ses conclusions sont toujours des tentatives et sont exposées au filtre philosophique à travers lequel s'analysent les données. Même avec ces limitations, il est intéressant de noter qu'il existe une nette tendance, évidente dans quelques autres domaines d'avant-garde de la science, selon laquelle, à mesure que la compréhension augmente et que les données s'accumulent, les affirmations téméraires du passé qui paraissaient incohérentes avec les perspectives bibliques traditionnelles sont mises en doute tandis que les perspectives cohérentes avec les affirmations bibliques paraissent plus acceptables.

TIMOTHY G. STANDISH
Geoscience Research Institute

*Version traduite en français d'un article publié en 2007 dans *Ciencia de los Origínes* 73 : 1-7.

Références

1. Cette statistique est très répandue. Voir par exemple le site web du zoo de San Diego : http://www.sandiegozoo.org/animalbytes/t-chimpanzee.html
2. Un autre exemple : MARKS J. 2002, *What It Means to be 98% Chimpanzee:Apes, People, and Their Genes*, University of California Press, Berkeley, 325 p.
3. WILDMAN D.E., UDDIN M., LIU G.,GROSSMAN L.I. & GOODMAN M. 2003, Implications of natural selection in shaping 99.4% nonsynonimous DNA identity between humans and chimpanzees: Enlarging genus Homo, *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 100:7181-7188.
4. FUJIYAMA A., WATANABE A., TOYODA A., TAYLOR T.D., ITOH T., TSAI S.-F., PARK H.-S., YASPO M.-L., LEHRACH H., CHEN Z., FU G., SAITOU N., OSOEGAWA K., DE JONG P.J., SUTO Y., HATTORI M. & SAKAKIL Y. 2000, Construction and analysis of a human-chimpanzee comparative clone map, *Science* 295:313, 314.
5. BRITTEN R.J. 2002, Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5% counting indels, *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 99: 13633-13635.
6. THE CHIMPANZEE SEQUENCING AND

ANALYSIS CONSORTIUM 2005, Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with human genome, *Nature* 437,69-87.
7. Frans de Waal est cité dans le site web des National Geographic News: http://news.nationalgeographic.com/news/2005/08/0831_050831_chimp_genes.html
8. Voir par exemple : ALLEN W. 2004, Editorial, *National Geographic* (nov.).
9. Voici une citation du chapitre 6 de *La filiation de l'homme* (Editions Syllepse, p. 243, 244) qui résume l'argument : « Si les singes anthropomorphes sont admis à former un sous-groupe naturel, alors, puisque l'homme s'accorde avec eux, non seulement dans tous les caractères qu'il possède en commun avec tout le groupe des Catarhiniens, mais dans d'autres caractères particuliers, tels que l'absence de queue et de callosités, et dans l'apparence générale, nous pouvons déduire que quelque ancien membre du sous-groupe anthropomorphe donna naissance à l'homme. Il n'est pas probable que, par la loi de variation analogue, un membre de l'un des autres sous-groupes inférieurs ait donné naissance à une créature d'apparence humaine, ressemblant à tant d'égards aux singes anthropomorphes supérieurs. Sans nul doute l'homme, en comparaison de la plupart de ses voisins, a subi une extraordinaire quantité de modification, en conséquence principalement du grand développement de son cerveau et de sa position érigée ; néanmoins nous devrions garder à l'esprit qu'il n''est que l'une des diverses formes exceptionnelles de Primates' ».
10. HUXLEY T.H., 1863, *Evidence as to Man's Place in Nature*.
11. Par cohérence et pour éviter la confusion nous nous référons ici seulement à l'ADN. Notez, cependant, que les codons se transmettant en utilisant des copies ARN de l'ADN et que, dans l'ARN l'uracile (U) prenant la place de la thymine (T), en tant que copie de l'ARN ce codon se lirait en réalité UGC et non TGC. Les codons de la séquence 2 se liraient UAA et UGA et non TAA et TGA.
12. La bêta-globuline mature commence par la valine. L'acide aminé altéré dans la bêta-globuline S est en fait le sixième qui de l'acide glutamique devient la valine dans la protéine mutée. En effet, le premier acide aminé codé dans ces séquences est en réalité la méthionine, mais cet acide aminé est éliminé dans la forme mature de la protéine.
13. Cette maladie est l'anémie falciforme qui s'exprime le plus souvent parmi les populations d'Afrique équatoriale. Chez les individus atteints d'anémie falciforme, les globules rouges subissent un allongement dû à une polymérisation de l'hémoglobine par perte d'oxygène. Ces cellules en forme de faux (falciformes) obstruent les vaisseaux sanguins et sont détruites rapidement ce qui entraîne des dommages dans les organes et une anémie chronique.
14. STANDISH T.G. 2002, Rushing to judgment : Fonctionality in noncoding or "junk" DNA, *Origins* 53:7-30.
15. SIBLEY C.G. & AHLQUIST J.E. 1984, The phylogeny of the hominoid primates, as indicated by DNA-DNA hybridization, *Journal of Molecular Evolution* 20:2-15. Voir aussi: SIBLEY C.G. & AHLQUIST J.E. 1987, DNA hybridization evidence of hominoid phylogeny: Results from an expanded data set, *Journal of Molecular Evolution* 26:99-121. Il faut signaler que le travail de Sibley et Ahlquist, bien que souvent cité et source possible du chiffre de 98% de ressemblance, est controversé car accusé de manipulations des données. Voir : http://personal.uncc.edu/jmarks/DNAHYB/dnahyb2.html
16. C'est le chiffre utilisé dans le scénario décrit dans le travail qui présente ces résultats. Il est cité pour illustrer ce point et non pour appuyer l'idée que la vie a des millions d'années.
17. PATTERSON N, RICHTER D.J., GNERRE S., LANDER E.S. & REICH D. 2006, Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees, *Nature* 441:1103-1108.
18. PONTING C. & JACKSON A.P. 2005, Evolution of primary microcephaly genes and the enlargement of primate brains, *Current Opinion in Genetics & Development* 15:241-248.
19. GILAD Y., OSHLACK A., SMYTH G.K., SPEED T.P. & WHITE K.P. 2006, Expression profiling in primates reveals a rapid evolution of human transcription factors, *Nature* 440:242-248.
20. WINCKLER W., MYERS S.R., RICHTER D.J., ONOFRIO R.C., MCDONALD G.J., BONTROP R.E., MCVEAN G.A.T., GABRIEL S.B., REICH D., DONNELLY P. & ALTSHULER D. 2005, Comparison of fine-scale recombination rates in humans and chimpanzees, *Science* 308: 107-111.
21. SMITH U. 1866, The visions—Objections answered: Obj. 37, *Advent Review and Sabbath Herald* 28 (9) (31 juillet):65, 66.
22. ROBINSON D.E. 1931, Amalgamation versus evolution, Elmshaven, St. Helena, California, *White Document File 316*, Heritage Room, Loma Linda University.
23. BARASH D.P. 2006, When man mated monkey, *Los Angeles Times* (17 juillet): http://www.latimes.com/news/opinion/la-oe-barash17jul17,0,1,1775276.story?coll=la-opinion-rightrail
24. Genèse 1:27.
25. 1 Corinthiens 13:12.

Pour toute correspondance veuillez vous adresser à :

SCIENCE & ORIGINES
Campus Adventiste du Salève, BP 74, 74165 Collonges-sous-Salève Cedex, France
ou par e-mail à :

jsauvagnat@ebogri.com

GEOSCIENCE RESEARCH INSTITUTE, 11060 Campus Street, Loma Linda, CA. 92350, USA
http://www.grisda.org
http://www.grisda.info

Actualité scientifique

PALEONTOLOGIE

Les dinosaures : ancêtres des oiseaux ?

Aerosteon riocoloradensis : un dinosaure avec un système respiratoire d'oiseau ?

Une équipe américano-argentine a décrit un nouveau dinosaure du Crétacé supérieur sur la rive du Rio Colorado en Argentine. *Aerosteon riocoloradensis*, un prédateur de 9 m de long, présente des os (fourchette, ilion, vertèbres, côtes) percés d'orifices s'ouvrant sur des cavités. Ces os sont interprétés comme des os pneumatiques ayant communiqué avec des sacs aériens comme chez les oiseaux.

La présence de ce type d'os aurait pour but une respiration plus efficace et une meilleure thermorégulation chez des dinosaures de grande taille. Elle donnerait un argument de plus en faveur de l'idée que les oiseaux descendraient des dinosaures.

Il est à remarquer, cependant, que cet article n'a été publié que sur Internet. Il faut donc attendre d'autres confirmations de cette interprétation.

SERENO P.C., MARTINEZ R.N., WILSON J.A., VARRICCHIO D.J., ALCOBER O.A. & H.C.E. LARSSON 2008. PLoS ONE 3(9): e3303. doi :10.1371/journal.pone. 0003303

Des plumes primitives de dinosaures ?

Une carrière d'ambre, le plus souvent opaque, du Crétacé de Charente-Maritime a livré ses secrets grâce au synchrotron de Grenoble. En plus de nombreux insectes, araignées, crustacés et restes de végétaux, des plumes d'un genre inconnu ont été observées.

Ces plumes représenteraient une forme intermédiaire entre le duvet et les plumes des oiseaux modernes. Leur tige est aplatie, composée de bases incomplètement fusionnées des barbes, qui forment deux lames irrégulières. Ces plumes primitives proviendraient soit d'un oiseau primitif soit d'un dinosaure non avien.

PERRICHOT V., MARION L. NÉRAUDEAU D., VULLO R. & TAFFOREAU P. 2008. *Proceedins of the Royal Society B*, 275:1197-1202.

Du collagène de *Tyrannosaurus rex* très proche de celui des oiseaux

Des chercheurs américains ont analysé des fragments de collagène α1 et α2 extraits d'os de tyrannosaure. Une ressemblance moléculaire avec le collagène des oiseaux a été constatée, ce qui a poussé ces spécialistes à établir une relation phylogénétique entre les dinosaures non aviens et les oiseaux.

ORGAN C.L., SCHWEITZER M.H., ZHENG W., FREIMARK L.M., CANTLEY L.C. & ASARA J.M. 2008. *Science*, 320 :499.

Une réaction de journaliste

Utilisant ces deux dernières découvertes, un journaliste a écrit un article intitulé : « L'oiseau vient bien du dinosaure… Les poules avaient des dents ». En sous-titre apparaît la phrase : « Ce n'est pas Dieu qui inventa et donna naissance aux oiseaux ! »

Sur le même ton l'article parle de ces deux découvertes comme de « preuves définitives » de la filiation entre dinosaures et oiseaux. Malgré certains bémols cités par le journaliste lui-même, il continue à dire que « la parenté est définitivement établie ». On ne sait pas quel animal a laissé les plumes primitives trouvées dans la résine transformée en ambre et pourtant le journaliste poursuit : « Cette découverte charentaise coupe l'herbe sous le pied des sectes créationnistes : la révélation d'une étape cruciale les prive d'un argument éventuel. La plume n'a donc pas été conçue par Dieu, d'un seul coup de génie, juste pour permettre aux oiseaux de voler… »

Les articles de ce type deviennent de plus en plus fréquents. Ils dénotent souvent un manque de connaissance des tâtonnements de la science et sont trop affirmatifs. Ils recherchent le sensationnel plutôt que de rendre compte impartialement des découvertes et de leurs interprétations possibles. Ils sont aussi assez méprisants vis-à-vis de ceux qui croient en la création par Dieu, mépris souvent attisé, il faut le reconnaître, par des déclarations tout aussi affirmatives et infondées de certains créationnistes.

Ces découvertes sont un progrès dans la connaissance des ressemblances des oiseaux avec les dinosaures, mais une bonne partie des problèmes concernant la parenté entre dinosaures et oiseaux (voir *Science & Origines* 1 et 2) n'est toujours pas résolue.

La preuve définitive n'est pas encore pour aujourd'hui.

Le Nouvel Observateur, 15-21 mai 2008, p. 96 et 98.

Dossiers

Où est née la vie ? *Dossier Pour la Science*, n° 60, juillet/sept. 2008, 120 p.

Ce dossier se compose de trois parties : la première est consacrée à l'origine de la vie sur la Terre, la seconde au projet de synthèse de la vie au laboratoire et la troisième à la recherche sur la vie extra-terrestre.

Les difficultés rencontrées par les scientifiques pour reconstituer les étapes de l'apparition de la vie sur Terre n'ont pas freiné la multiplication des travaux sur la question. Elles n'ont pas non plus entamé l'espoir de ces scientifiques de trouver une réponse rationnelle au problème de l'origine de la vie sans faire intervenir une intelligence supérieure.

Les recherches menées en laboratoire et dans l'espace ont pour but de d'approfondir la connaissance du phénomène vivant et de compenser les handicaps qui affectent les chercheurs qui ne peuvent disposer du temps cosmologique et qui doivent s'attaquer à l'incroyable complexité de la vie.

La nouvelle histoire de l'homme : De Toumaï à Homo sapiens, *Les Dossiers de La Recherche*, n° 32, août 2008, 98 p.

Ce dossier, bien illustré, présente l'avantage de réunir en relativement peu de pages les principales découvertes de fossiles d'Hominidés depuis les plus anciennes jusqu'aux plus récentes. Il fait le point après l'accumulation des données de ces dernières années qui avait bousculé tous les scénarios de nos origines élaborés précédemment.

Les rapports entre les Autralopithèques et *Homo habilis*, entre *Homo habilis* et *Homo erectus*, entre Néandertal et Cro-Magnon, et les origines d'*Homo sapiens* y sont discutés.

Un chapitre intéressant est consacré aux méthodes de datation appliquées à la paléoanthropologie et aux problèmes qu'elles peuvent rencontrer.

A la fin du dossier, un commentaire des livres récents et des sites web sur ces questions aideront les passionnés de paléontologie humaine à parfaire leur connaissances.

Livres

Stephen Jay GOULD, 2006, ***La structure de la théorie de l'évolution***, *nrf* essais/Gallimard, Paris, 2033 p.

Cet énorme ouvrage, dont l'original a été publié en 2002, date de la mort de l'auteur, peut être considéré comme le testament scientifique du célèbre paléontologue. Il rassemble l'ensemble de ses idées concernant la théorie de l'évolution.

Dans une première partie il retrace l'histoire de cette théorie et se livre à une exégèse de la théorie darwinienne qui repose, selon lui, sur trois principes : (1) compétition entre les individus, (2) sélection naturelle seule responsable du changement évolutif et (3) gradualisme et accumulation du changement évolutif avec le temps donnant la diversité actuelle des espèces. Il poursuit avec la théorie synthétique, héritière de la théorie darwinienne, qui prédomine aujourd'hui et qu'il accuse d'être de plus en plus dogmatique vis-à-vis des théories alternatives.

La deuxième partie présente en détail sa théorie de l'équilibre ponctué qui s'oppose aux trois principes de la théorie darwinienne. La sélection naturelle agit plutôt sur les espèces et pas seulement sur les individus et n'est pas la seule responsable de l'évolution. La prise en compte des événements catastrophiques sur la planète permet de remettre en question le gradualisme et d'admettre une accélération des changements évolutifs (saltationnisme).

Gould consacre les pages 1382 à 1388 à ce qu'il appelle « le détournement de l'équilibre ponctué par le créationnisme ». Il dénonce la malhonnêteté intellectuelle des créationnistes qui consiste à déformer sa théorie et à l'utiliser pour affirmer qu'il n'y a pas d'évolution.

Un livre pour lecteurs avertis, très instructif sur les débats entre évolutionnistes, par un auteur qui a su contester et réviser certains aspects d'une théorie dominante.

Charles DARWIN, 2008, ***L'autobiographie***, Seuil, Paris, 246 p.

Ecrite entre 1876 et 1882, cette autobiographie adressée à ses enfants décrit la longue maturation de la théorie de Darwin. On y trouve aussi des pages relatant l'évolution de ces convictions religieuses (p. 81-91) qui inquiétait tant sa femme très pieuse. Darwin parle avec admiration de cette épouse qu'il a toujours essayé de ne pas choquer par ses idées et fait part de l'immense chagrin ressenti à la mort de sa fille de 10 ans. La recherche de sa voie dans sa jeunesse, son voyage autour du monde à bord du « Beagle », ses rapports avec ses collègues scientifiques, sa maladie prennent une large part dans cet ouvrage.

Un moyen de mieux connaître le père de la théorie moderne de l'évolution.

SCIENCE & ORIGINES

Publication semestrielle
de la section européenne du
Geoscience Research Institute

Directeur de la publication :
Roberto Badenas
Rédacteur :
Jacques Sauvagnat
Comité de rédaction :
Roberto Badenas, René Collin, James Gibson, Marcel Ladislas, Marc-André Thiébaud.
Les articles parus dans *Science & Origines* n'engagent que leurs auteurs.

ISSN : 1628-8262
Impression : ALAC Impression. Annecy